

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE ISOLADOS DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS DROGA RESISTENTE EM UNIDADE DE REFERÊNCIA EM FORTALEZA, CEARÁ

XXXVIII Encontro de Iniciação Científica

Thales Candido da Silva, Caroliny Soares Silva, Thales Alves Campelo, Soraya de Oliveira Sancho, Cristiane Cunha Frota

INTRODUÇÃO: A doença tuberculose (TB) é altamente infecciosa, causada pelo o bacilo *Mycobacterium tuberculosis*. É estimado que um quarto da população mundial esteja infectada. A TB multidroga resistente (MDR) é definida como a resistência à isoniazida (I) e rifampicina (R), dois principais fármacos utilizados no tratamento da TB. **OBJETIVOS:** Analisar o perfil de sensibilidade e caracterizar as mutações dos isolados bacterianos aos seguintes fármacos antituberculose: estreptomicina, I, etambutol, quinolonas e R. **METODOLOGIA:** Foi realizado um estudo prospectivo e observacional com 49 participantes com TB-R em pacientes HIV negativos. Foi colhido o escarro desses pacientes e realizada análise genômica por meio da reação da cadeia polimerase convencional da região 179 pb da sequência IS6110, específica para identificação molecular do complexo *M. tuberculosis*. As amostras de TB-R que foram positivas para o IS6110 foram submetidas a PCR-multiplex alelo específico (PCR-MAS) para identificação de mutação nos genes *rpoB*, *katG*, *mabA*, *rrs* e *gyrA*. **RESULTADOS:** Todas as amostras foram positivas na PCR convencional da região 179 pb da sequência IS6110, específica para o complexo *M. tuberculosis*. Dos ensaios de PCR-MAS para identificação de mutação nos genes estudados, foram observadas 59 mutações pontuais nos 49 isolados. Destas, 31 apresentaram mutação no códon 315 do gene *katG* (31/59), seis apresentaram mutação no gene *mabA* (6/49). Em relação ao gene *rpoB*, foi observado que 18 amostras apresentaram resistência (18/59). Destas 18 amostras resistentes, 15 apresentaram mutação no códon 516 e três no códon 526. Apenas três amostras positivaram para o gene *gyrA* o que caracteriza uma frequência de 5,0% (3/59). Nenhuma amostra foi positiva para mutação no gene *rrs*. **CONCLUSÃO:** Todas as amostras foram positivas na PCR convencional da região 179 pb da sequência IS6110. Foram detectadas mutações nos genes *katG*, *rpoB*, *mabA* e *gyrA*. Não foram encontradas mutações no gene *rrs*.

Palavras-chave: tuberculose. resistência antimicobacteriana. *Mycobacterium tuberculosis*. mutação.